

IDENTIFICATION

Species: *Aquilegia coerulea*

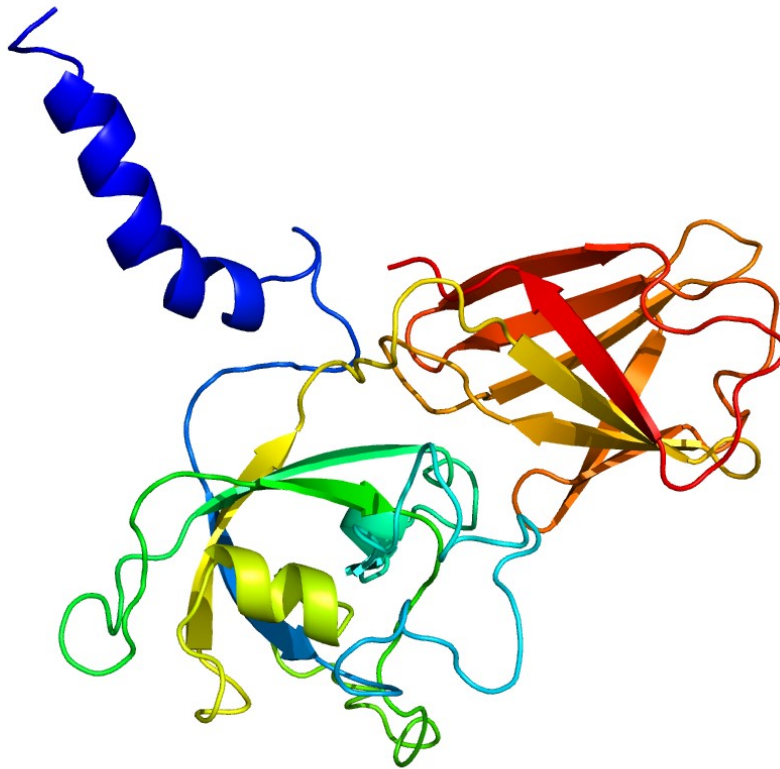
Locus: Aqcoe2G220000

Gene Model: Aqcoe2G220000.1.p

Description: AcEXPA-07

Family: Alpha Expansin

3D structure:

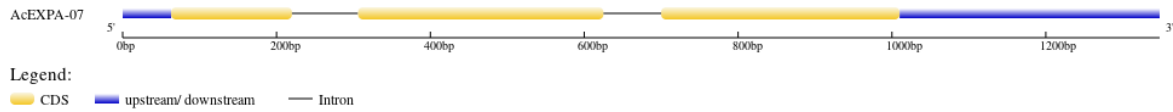


GENOME DATABASES

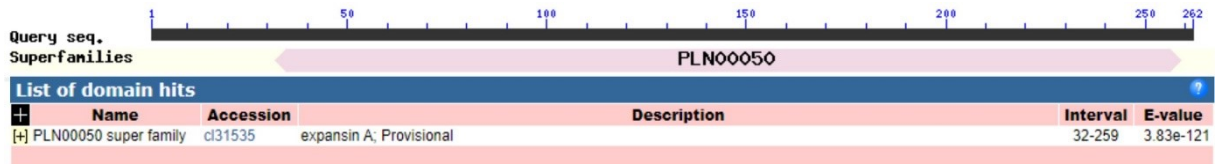
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Acoerulea_v3_1

EXTERNAL RESOURCES

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>AcEXPA-07

MAFQRVTLLCIFSLISFSFMLEARIPGNYQGGPWQSAHATFYGGSDASGTMGGACGY
GNLYSQGYGVNTAALSTALFNGLSCGSCFEIKCANDPKWCHSGSPSIFITATNFCPP
NFAQSSDDGGWCNPPRPHFDLAMPMLKIAEYRAGIVPVAFRRVPCRKQGGIRFTIN
GFRYFNLVLITNVAGAGDIQRVFKGKTGWMSLSRNWQNWQSNADLGGQALSF
RVTGSDGRTSTSNIVPANWKFGQTFSGKNFRV*

CDS (coding sequence)

>AcEXPA-07

ATGGCTTTTCAAAGAGTAACATTGCTCTGCATTTTCTCTTTAATCTCATTCTCCTTC
ATGCTCATTGAAGCAAGAATCCCAGGAAATTATCAAGGTGGTCCATGGCAAAGT
GCTCATGCTACTTTTTATGGTGGTAGTGATGCTTCTGGA ACTATGGGTGGTGCTTG
TGGATATGGAACTTATACAGTCAAGTTATGGGTGTAACACAGCAGCATTGAGC
ACAGCTTTGTTAATAATGGTTTAAGCTGTGGTTCTTGTTTTGAAATTAATGTGC
CAATGACCCTAAATGGTGTCATTCTGGTAGTCCATCTATCTTCATTACTGCTACCA
ATTTCTGTCCACCAAACCTTGCTCAATCAAGTGATGATGGTGGTTGGTGCAATCCT
CCTCGTCCTCATTTGATCTTGCAATGCCCATGTTTCTTAAAATTGCTGAATATCG
TGCCGGAATTGTTCCCGTTGCTTCCGCCGGGTACCATGTAGGAAACAAGGTGGG
ATCAGATTTACAATTAATGGATTTAGGTACTTTAATTTGGTGTTGATTACAAATGT
TGCTGGTGCCGGAGATATTCAGCGAGTTTTCTGTAAGGGA ACTAAGACCGGTTGG
ATGAGTTTGAGTCGAAACTGGGGTCAGAATTGGCAATCAAATGCCGATTTAGGTG
GTCAGGCATTGTCGTTCCGAGTTACCGGTAGTGATGGAAGAACATCAACTTCAA
TAATATTGTTCCAGCAAATTGGAAGTTCGGTCAAACCTTCAGTGGAAGA ACTTC
AGAGTCTAA

Nucleotide

>AcEXPA-07

CAATCCTGAATAAAAAAAAAAAAAACCCCCTTCTCTTCTCAGTTCCCACTCTCTCTGTA
GGCAGAAATGGCTTTTCAAAGAGTAACATTGCTCTGCATTTTCTCTTTAATCTCAT
TCTCCTTCATGCTCATTGAAGCAAGAATCCCAGGAAATTATCAAGGTGGTCCATG
GCAAAGTGCTCATGCTACTTTTTATGGTGGTAGTGATGCTTCTGGAACCTATGGGTA
TGTATCATTATATTCTAACTCTCCTCAAAACTTGAGATTTAACAATAGTTTTACAA
GATCTAACCAAACATTGATTTCTGCAGGTGGTGCTTGTGGATATGGAACTTATA
CAGTCAAGGTTATGGTGTAACACAGCAGCATTGAGCACAGCTTTGTTTAATAAT
GGTTTAAGCTGTGGTTCTTGTTTTGAAATTAATGTGCCAATGACCCTAAATGGTG
TCATTCTGGTAGTCCATCTATCTTCATTACTGCTACCAATTTCTGTCCACCAAACCT
TGCTCAATCAAGTGATGATGGTGGTTGGTGCAATCCTCCTCGTCCTCATTTCGATC
TTGCAATGCCCATGTTTCTTAAAATTGCTGAATATCGTGCCGGAATTGTTCCCGTT
GCTTCCCGCCGGTACTATTATGTCCTTATGTATATTTTATATTTACAATGAGTACC
CTTTAATAAGTTGCATTTTTATTGAAACAGGGTACCATGTAGGAAACAAGGTGGG
ATCAGATTTACAATTAATGGATTTAGGTACTTTAATTTGGTGTTGATTACAAATGT
TGCTGGTGCCGGAGATATTCAGCGAGTTTTTCGTGAAGGGAACCTAAGACCGGTTGG
ATGAGTTTGAGTCGAAACTGGGGTCAGAATTGGCAATCAAATGCCGATTTAGGTG
GTCAGGCATTGTCGTTCCGAGTTACCGGTAGTGATGGAAGAACATCAACTTCAAA
TAATATTGTTCCAGCAAATTGGAAGTTCGGTCAAACCTTCAGTGGAAGAAGACTTC
AGAGTCTAAAGATGAGATAAAATGTCTGCAATTAGTTGTAATATTTTTTTATTACTT
GTTAAAGTTGTTATAGTTAATTAATTAGTAATTAATGTAAACAAAAAGAGAATTG
GGAGGAAAGAAGAAGAGAATGTGTGTGTAGTGGTAGTGGGAGTGGGAGAAAGA
AGAAGAAGAACTTTTGACTTTGGGGCTGTGTTTTAAGTGGAACCTGAAGAAAAA
AAATGTATCTGGGCAGCTGAAGTGGCTGTATAAACATGTAGCCCGCAGCTTGCAT
TTATATGTGTTTGTGTTATATACCTTATTTAGTGGTGTTAAGTTTTTTCTAACTG
TTACATTAAGAAATGA